

# **L BIO1355 – Rapport de TP**

La co-évolution entre les Eulophidae et les Cassidinae

**Gashi Vandenhove Elfie**

**Guyot Léopold**

**Hiernaux Stéphane**



L BIO1355 – Rapport de TP  
Université catholique de Louvain-la-Neuve  
Belgique  
22 décembre 2022

# 1 Introduction

Nous savons tous que l'évolution est le mécanisme clé de la diversité des espèces. Au sein de l'évolution, la coévolution est un processus particulier lors duquel deux espèces évoluent en parallèle, influençant l'une et l'autre leur fitness. Dans ce rapport, nous allons étudier les arbres phylogénétiques de deux familles/sous-familles liées par une relation hôte-parasite afin de prouver leur coévolution. Celles-ci sont d'une part Eulophidae, une famille d'insectes hyménoptères parasitoïdes et plus grands représentants de la super-famille des Chalcidoidea, et d'autre part Cassidinae, une sous-famille d'insectes coléoptères de la famille des Chrysomelidae. Ces Cassidinae sont souvent dépendants d'une plante hôte spécifique (Cuignet et al. 2007). Du fait de cette propension à toujours se localiser sur les mêmes familles de plantes, les membres de cette sous-famille sont des proies facilement trouvables pour les prédateurs et les parasites, faisant des Cassidinae la famille la plus parasitée au sein des Chrysomelidae. Cette pression sélective aurait donc mené à de nombreuses évolutions défensives à tous stades de développement chez cette famille (Olmstead 1994). Le but de ce rapport est de prouver la coévolution entre nos deux familles en opposant les arbres phylogénétiques que nous obtiendrons en comparant des séquences d'ADN homologues. Selon la loi de Farenholz, la phylogénie des parasitoïdes et en miroir avec celle de leurs hôtes (Cuignet 2005). Nous allons donc vérifier si c'est bien le cas et à quel point ces arbres sont-ils l'image de l'autre une fois mis en vis-à-vis.

## 2 Choix du marqueur pour les Eulophidae

### 2.1 Marqueur : 28S D2, ITS2 ou CytB ?

Cytochrome B

### 2.2 Justification ?

## 3 Méthode de construction d'arbre Eulophidae (parasitoïdes)

*Soyez précis ! Méthode, modèle, ... vous pouvez vous aider de captures d'écran. Pensez à justifier vos choix.*

## 4 Méthode de construction d'arbre Cassidinae (hôtes)

*Soyez précis ! Méthode, modèle, ... vous pouvez vous aider de captures d'écran. Pensez à justifier vos choix.*

## 5 Arbre Eulophidae (parasitoïdes)

### 5.1 Format parenthétique

((Signiphoridae\_species1 : 0.015285, Signiphoridae\_species2 : 0.128462) : 1.46985, (Horismenus\_species3 : 0.221766, (((Horismenus\_species5 : 0.019111, Horismenus\_species6 :

0.05062)72 : 0.067935,(Horismenus\_species1 : 0.144536,Horismenus\_species2 : 0.156884)96 :  
0.164364)68 : 0.061764,((Emersonella\_tanigaster : 0.092657,(((Emersonella\_carballoi :  
0.026058,Emersonella\_nr\_carballoi : 0.014511)99 : 0.099119, (Emersonella\_albicoxa :  
0.121503, (Emersonella\_rotunda\_subtype1 : 0,(Emersonella\_rotunda\_subtype3 : 0.025135,Emersonella\_rotunda\_subtype2 : 0.0003)53 : 0.004206)98 : 0.069929)72 : 0.015958)49 : 0.021809,((Emersonella\_niveipes\_sub1 : 0.092929,Emersonella\_niveipes\_sub2 : 0.054961)96 : 0.092457,((Emersonella\_varicolor : 0.218957, ((Emersonella\_planiceps\_subtype1 : 0.011964 , Emersonella\_planiceps\_subtype2 : 0)100 : 0.060833,(Emersonella\_species3\_subtype1 : 0.018041,Emersonella\_species3\_subtype2 : 0.068031)99 : 0.101026)69 : 0.021096)61 : 0.0243,(Emersonella\_rotunda\_subtype4 : 0.146251,Emersonella\_rotunda\_subtype5 : 0.097387)16 : 0.016969)47 : 0)40 : 0.00721)67 : 0.017421)72 : 1e-06,((((Emersonella\_reticulata : 0.217408,Emersonella\_windsori : 0.201281)41 : 0.0354,(Emersonella\_nr\_hastata : 0.247184,(Emersonella\_planiscuta : 0.292321,(Emersonella\_horismenoides\_sub2 : 0.078355,(Emersonella\_horismenoides\_sub1 : 0,Emersonella\_species4 : 0.018414)94 : 0.047046)94 : 0.080812)79 : 0.067887)70 : 0.030555)60 : 0.022807,(Emersonella\_pubipennis\_sub1 : 0,Emersonella\_pubipennis\_sub2 : 0.01323)100 : 0.16614)59 : 0.015063,(Emersonella\_species2 : 0.319133,(Emersonella\_species1 : 0.050373,((Emersonella\_cuignetae\_subtype1 : 0.006681,Emersonella\_cuignetae\_subtype2 : 0.024551)90 : 0.005161,Aprostocetus\_sp : 3.67715)62 : 0.063493)62 : 0.09989)79 : 0.066898)59 : 0.115077)72 : 0.188936)95 : 0.086078) : 0.0773606)73 ;

## 5.2 Graphe :

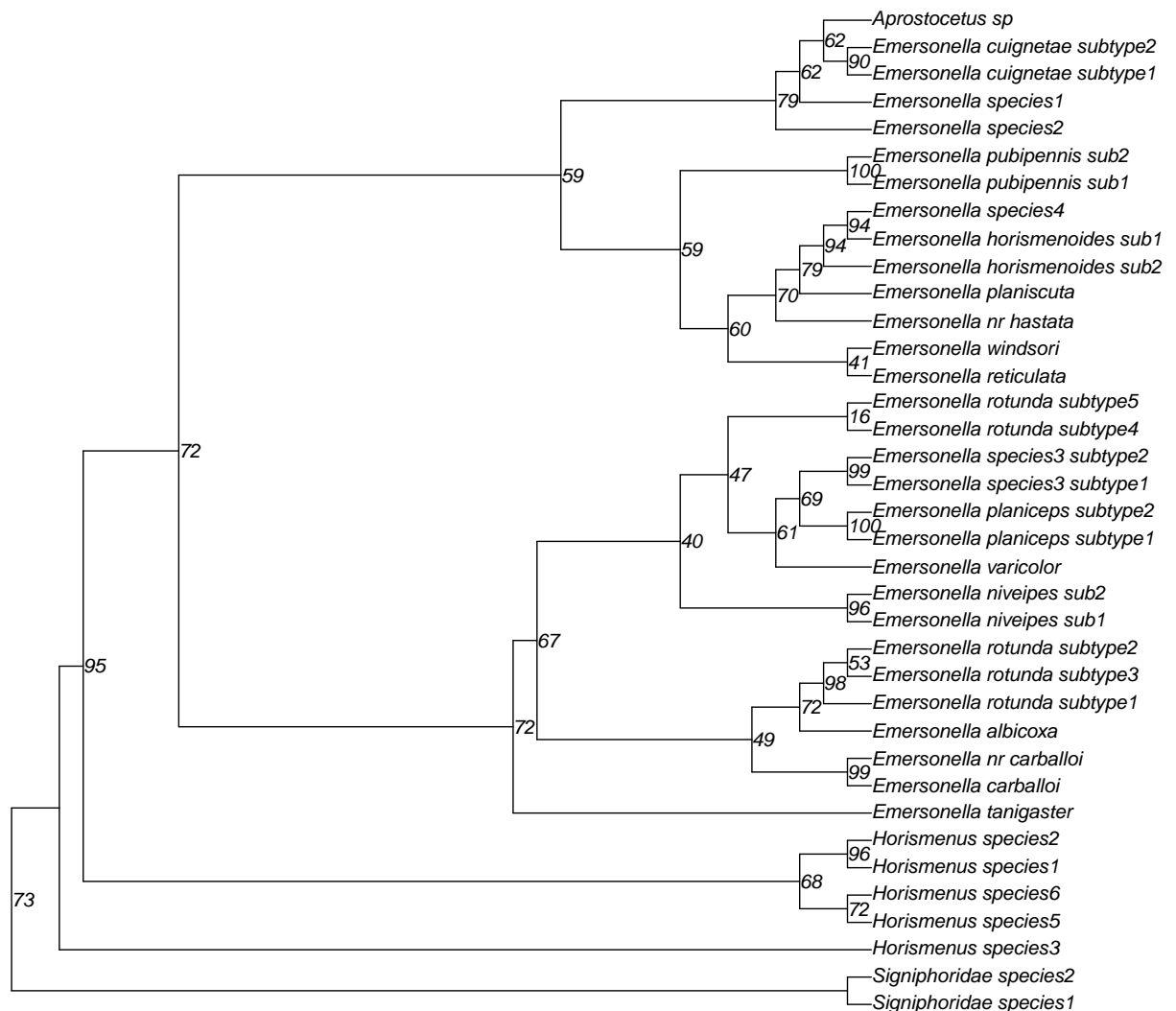


FIGURE 1 – Arbre phylogénétique des Eulophidae.

## 5.3 Discussion

Tout d'abord, nous pouvons observer que l'outgroup, composé de deux espèces de Signiphoridae, est bel et bien séparé des autres espèces.

Ensuite, on peut observer plusieurs groupements de sous-types d'espèces qui semblent bien agencés, tels que niveipes, species3, planiceps, pubipennis et horismenus. Le groupement rotunda quant à lui est plus dispersé, les subtypes 4 et 5 se trouvant séparés des trois premiers qui eux sont tous adjacents. Dans l'arbre réalisé dans l'article de Cuignet de 2005, Aprostocetus semble avoir plus d'ancienneté que là où il est placé dans notre arbre. Nous pouvons donc en déduire que notre arbre n'est pas fiable pour la position de ce genre. On voit également que les subtypes 4 et 5 de rotunda sont bien séparés des trois premiers dans l'arbre de Cuignet, ce qui pourrait indiquer que cette séparation au sein de notre arbre est assez fiable.

On peut également constater, en comparant notre arbre à celui de Cuignet, que le

groupe *Horismenus* se situe dans les ancêtres communs à la plupart des autres *Emersonella*, ce qui correspond avec la place que ce groupe tient dans notre arbre. Nos espèces d'*Horismenus* sont d'ailleurs séparées par deux noeuds, comme chez Cuignet. Cependant l'ordre d'apparition des espèces dans l'arbre ainsi que la manière dont sont agencés ces deux noeuds sont différentes dans notre arbre phylogénétique.

En regardant nos valeurs bootstrap, .... L'arbre de Cuignet semble également avoir une structure différente de la nôtre, mettant en cause la fiabilité de la position de nos genres et espèces. On peut cependant noter plusieurs endroits avec une valeur de bootstrap élevée ainsi qu'une ressemblance avec l'arbre de l'article de Cuignet, telles que l'outgroup Signiphoridae et le groupement assez ancestral et aux espèces adjacentes dans l'arbre de *Horismenus*. Les valeurs de bootstrap sont également proches de 100 lorsqu'un embranchement débouche sur deux espèces d'un même genre, ce qui est le cas pour les genres *niveipes*, *species3*, *planiceps*, *pubipennis* et les deux sous-types de *cuignetae*. Le fait que les valeurs bootstrap soient aussi peu convaincantes peut être expliqué par le fait que l'analyse se fait sur peu de genres différents, dont le genre *Emersonella* présent en majorité ayant évolué assez récemment, rendant difficile la différenciation et le placement des espèces dans l'arbre.

## 6 Arbre Cassidinae (hôtes)

### 6.1 Format parenthétique

```
(Imatidium_thoracicum : 0.146486,(((Stolas_lebasii : 0.016522,(Chelymorpha_alternans :
0.015659,(Stolas_extricata : 0.003157,Stolas_pictilis : 0.012136) 94 : 0.016166)73 : 0.007367)
68 : 5e-06,(((Acromis_sparsa : 0.020685,Paraselenis_tersa : 0.039344)64 : 0.007934,(Hila-
rocassis_evanida : 0.045517,Omaspides_bistriata : 0.024575)49 : 0.005353)82 : 0.00954,(Po-
lychalma_multicava : 0.054057,(Cistudinella_foveolata : 0.008476,(((Discomorpha_salvini :
0.027913,Hybosa_mellicula : 0.003428)27 : 0.002709,(Spaethiella_species : 0.094631,(De-
loyala_guttata : 0.08459,Charidotis_abrupta : 0.024331)37 : 0.01193)31 : 0)47 : 0.006152,(Cha-
ridotis_vitreata : 0.018956,(((Microtenochira_fraterna : 0.00735, Microtenochira_nigrocincta :
0)79 : 0.002648,(Microtenochira_flavonotata : 0.003473,(Microtenochira_sp1 : 0.009288,
(Microtenochira_nr_nigrocincta : 0,(Microtenochira_cumulata : 0, Microtenochira_sp2 :
0.005312)51 : 0)86 : 0.00253)93 : 0.007396) 91 : 0.007651) 92 : 0.007457,(((Tapinaspis_waesmali :
0.006284,Xenocassis_ambita : 0.005787)96 : 0.021262,(Charidotella_zona : 0.022445,(Agroi-
conota_propinqua : 0.016089,Metrionella_erratica : 0.012801)44 : 1e-06)52 : 0.007592)75 :
0.012014,(Charidotella_ventricosa : 0.014347,(Charidotella_proxima : 0.01483,(Charido-
tella_sexpunctata : 0.006871,Charidotella_sinuata : 1e-06)91 : 0.013342)84 : 0.018608)95 :
0.012519)96 : 0.016393)95 : 0.014759)47 : 0.015593)67 : 0.004068)68 : 0.00274)60 : 0.005582)68 :
0.020567) : 0.010858);
```

## 6.2 Graphe :

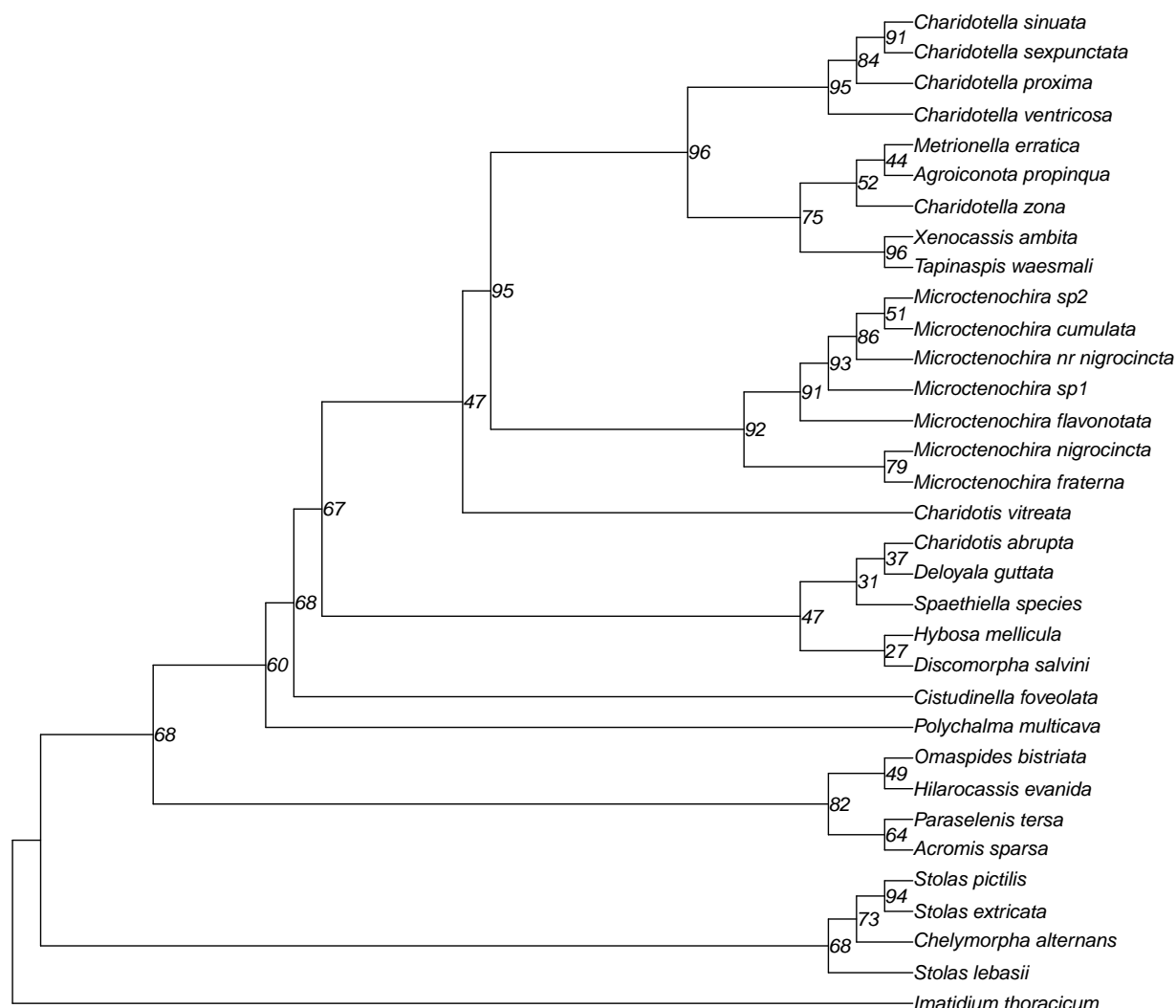


FIGURE 2 – Arbre phylogénétique des Cassidinae.

## 6.3 Discussion

*Quelle fiabilité accordez-vous à votre arbre ? De quels regroupements êtes-vous sûrs ou les plus confiants ? Que proposeriez-vous pour améliorer votre résultat ?* Discutez d'abord la topologie sans vous préoccuper des valeurs de bootstraps, puis en en tenant compte. On peut tout d'abord observer sur l'arbre des *Cassidinae* (citer fig.) un outgroup constitué d'*Imatidium thoracicum*.

Concernant le reste de l'arbre, les différentes espèces d'un même genre sont presque toutes regroupées sous un nœud unique ce qui peut être un bon indicateur de la solidité (notamment au sein des genres *Microctenochira*, *Charidotella* et *Stolas*). Toutefois, on observe aussi des espèces isolées des autres espèces d'un même genre, c'est le cas de *Charidotella zona*, des 2 espèces du genre *Charidotis* ainsi que *Stolas lebasii*. Le fait que la classification de ces espèces se soient faite sur base de caractères morphologiques et le manque d'analyse génomique au sein de la sous-famille des *Cassidinae* pourraient

expliquer la paraphylie rencontrée.

Un autre facteur ayant pu jouer sont les valeurs de bootstraps. Il est possible d'en observer quelques-unes un peu plus faibles, notamment au niveau des genres paraphylétiques. Toutefois, on retrouve plusieurs valeurs supérieures à 80 ce qui peut appuyer la solidité de notre arbre. Bien que faire plus de répliques de notre arbre aurait permis d'avoir des résultats plus fiables. De plus, on observe à certains nœuds trois embranchements.

Finalement, il aurait été intéressant de comparer des arbres faits avec différentes méthodes mais les autres arbres obtenus avaient des valeurs de bootstraps trop faibles et les analyser n'aurait pas été pertinent.

## 7 Coévolution

### 7.1 Graphe (les deux arbres, et les liens entre eux)

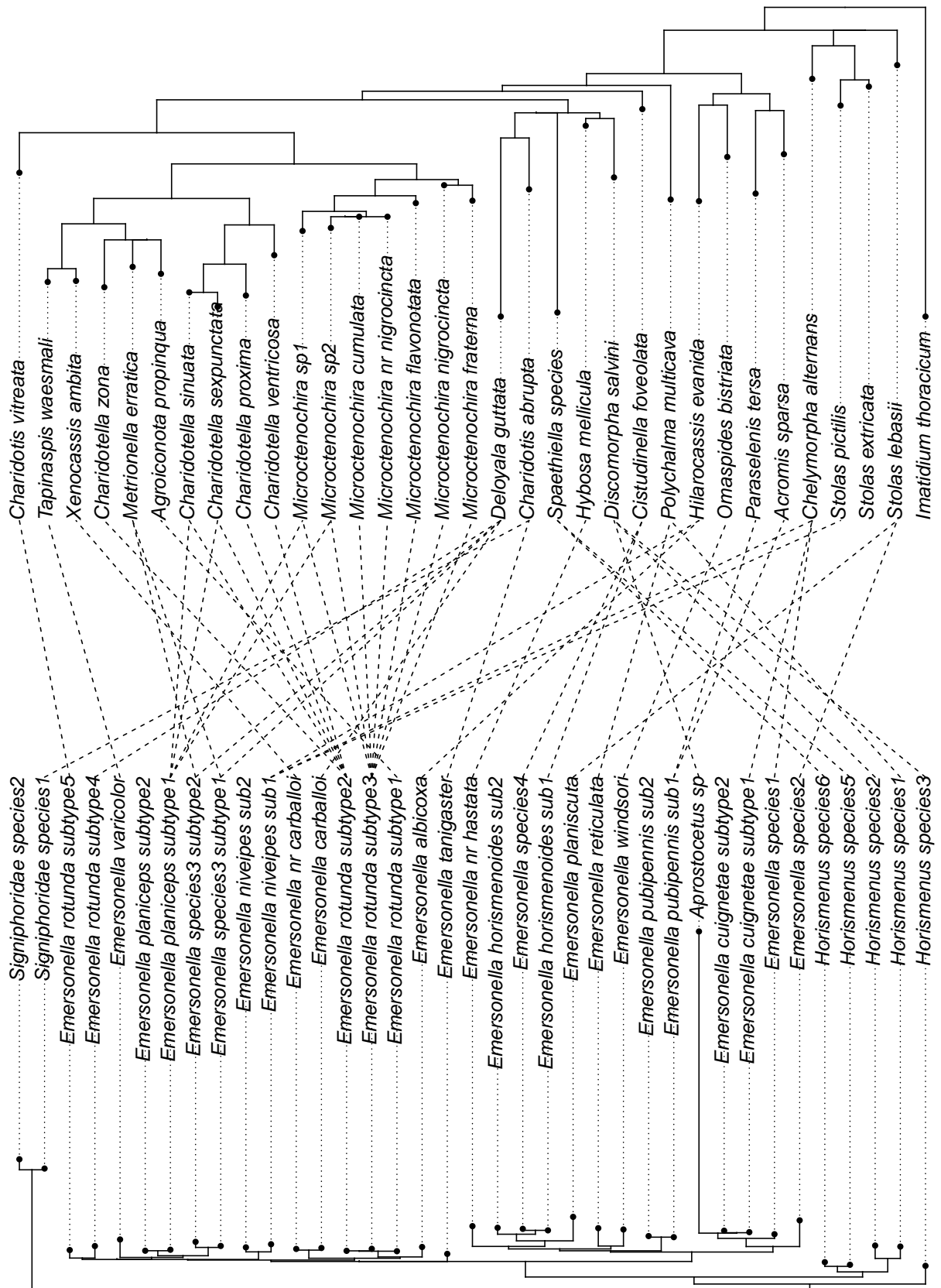


FIGURE 3 – Arbre de co-évolution des Eulophinae face au Cassidinae.



## 7.2 Discussion

*Y a-t-il selon vous coévolution ? Dans quelle mesure ?*

## 8 Conclusion

*Soyez clairs, concis, synthétiques, cohérents, mais aussi exhaustifs ! La conclusion, c'est la fin de l'histoire, c'est la finalisation du travail. En tant que telle, elle se doit d'en rappeler tous les points importants, de les représenter de manière cohérente, et de montrer ce qu'il a apporté (ce que nous savons en plus et que nous ne savions pas au début). Éventuellement, cette conclusion peut également comprendre une critique constructive et des perspectives.*

## 9 Annexes (.fasta)